SEQUENCE LISTING

SEQ ID NO:1 Scarlet Runner Bean G654 promoter

```
        -4242  GCATGCACTG  CCACAAGTAG  TGAACTCATG  GTTTTACCTC  CTCAAGTAGA
        -4192  AAACCTTTTG  AGTGAATTTG  AAGATTTATT  CTCCCAAGAA  GGACCCATTG
   5    -4142  GGCTTCCTCC  TCTTAGGGGG  ATAGAACATC  AAATTGACTT  TATACCGGGG
        -4092  GCAAGCCTAC  CAAATAGGCC·TCCTTATAGA  ACCAACCCCG  AGGAAACAAA
        -4042  GGAGATAGAA  TCACAAGTTC  AAGACTTGTT  GGAGAAGGGT  TGGGTTCAAA
        -3992  AGAGCCTAAG  CCCTTGTGCT  GTACCTGTCT  TGTTGGTGCC  AAAAAAAGAT
        -3942  GGAAAATGGC  GTATGTGTTG  TGATTGTAGA  GCAATCAACA  ACATCACCAT
  10    -3892  CAAGTATAGG  CATCCAATCC  CAAGGCTTGA  CGATATGCTT  GATGAATTGC
        -3842  ATGGGTCAAC  TCTATTCTCC  AAAATTGACC  TTAAAAGTGG  ATATCACCAA
        -3792  ATTCGAATCA  AGGAGGGTGA  TGAGTGGAAA  ACCGCTTTTA  AGACCAAATT
        -3742  TGGATTATAT  GAGTGGTTGG  TGATGCCCTT  TGGTCTTACT  AACGCTCCAA
        -3692  GTACATTCAT  GAGGCTTATG  AATCACACCT  TGAGGGATTG  TATAGGTAAA
  15    -3642  TATGTAGTAG  TTTATTTTGA  TGATATCTTA  GTATATAGTA  AAACCCTAGA
        -3592  AGACCATCTA  AGTCACCTTA  GGGAAGTTCT  TCTAGTTCTT  AGGAAAAATA
        -3542  GTCTTTTTGC  CAATAGGGAT  AAGTGTACCT  TTTGTGTAGA  TAGCGTAGTC
        -3492  TTTTTAGGCT  TTATAGTAAA  CCAAAAGGGG  GTGCATGTAG  ATCCCGAGAA
        -3442  AATCAAAGCC  ATCCGCGAGT  GGCCAACTCC  ACAAAATGTA  AGTGATGTGA
  20    -3392  GAAGTTTTCA  TGGGTTAGCT  AGCTTCTATA  GAAGGTTTGT  TCCCAATTTT
        -3342  TCTAGCCTAG  CTTCTCCCTT  GAATGAACTT  GTAAAAAAAG  ATGTTGCATT
        -3292  TTGTTGGAAT  GAAAAGCATG  AGCAAGCCTT  TCAAAGGCTA  AAAGCTCACT
        -3242  CACCAATGCA  CCCATCCTAT  CTCTTCCAAA  TTTTTCCAAA  CTTTTGGAGA
        -3192  TAGAGTGTGA  TGCATCGGGA  GTAGGCATAG  TGCGGTTTTG  TTGCAAGGTG
  25    -3142  GACACCCCTT  GCTTATTTTA  GTGAAAAACT  CCATGGTGCC  ACCCTCACTA
        -3092  CCCCACCTAT  GACAAAGACT  CTATGCTCTT  GTGCGACCCT  AAAGACTTGG
        -3042  GGAACACTAC  CTTGnGTCCC  AAAGAATTTG  GnTATCCATA  GTGATCACGA
        -2992  GTCTTTAAAA  TATTTAAAGG  GCCAACACAA  GCTCAATAAG  AGACATGCTA
        -2942  AATGGATGGA  ATTTCTTGAA  CAATTTCCTT  ATGTCATCAA  ATACAAGAAA
  30    -2892  GGGAGCACCA  ATATAGTGGC  CGATGCTCTT  TCTAGACGGC  ACACTCTCTT
        -2842  TTCAAAACTA  GGTGCCCAAA  TTCTTGGATT  TGACCACATA  AGAGAGCTTT
        -2792  ATCAAGAAGA  TCAAGAACTC  TCATCCATCT  ATGCCCAATG  TCTACATAGA
        -2742  GCACAAGGAG  GTTACTATGT  GTCCGAGGGA  TATCTTTTTA  AGAAGGAAA
        -2692  ACTTTGCATT  CCCCAAGGAA  CACATAGAAA  ACTCCTTGTC  AAAGAATCAC
  35    -2642  ATGAAGGGGG  ACTCATGGGC  CATTTTGGAG  TTGATAAAAC  TCTAGACTTT
        -2592  TAAAAGCAAA  ATTTTGTTGG  CCACACATGA  GGAAAGATGT  CCACGACATT
        -2542  GTCTAGAGTA  TCTCATGTTT  AAAAGCAAAG  TCTAGAACAA  TGCCGCTGGA
        -2492  CTCTACACCC  CTTTGCCGAT  TGCAAAGCTC  CTTGTGAAGA  CATTAGCATG
        -2442  GATTTCATTT  TAGGACTTCC  TAGGACTGCA  AGAGGCCATG  ACTCTATCTT  ·
  40    -2392  TGTGGTAGTG  GACCGTTTTA  GCAAAATGTC  TCACTTTATT  CCATGCCACA
        -2342  AAGTAGATGA  TGCTCAAAAT  ATTTCTAAAC  TCTTCTTTAG  AGAAGTGGTG
        -2292  AGACTCCATG  GTCTCCCTAG  AAGTATAGTG  TCCGATAGAG  ATCACCTTAA
        -2242  ATATATAATT  ATACACTTGT  TTTTTTTCTC  TTTTTTATTT  TATCAAGTAA
        -2192  AAAGTATTTG  TTCTAGATTA  TTATGAGTAT  ATACTTACTT  TCTGTATTTC
  45    -2142  ATTTCTTTCT  ATTTTTTATG  ACGATGAAAT  TTCTTATTAT  ATCCAGACTT
        -2092  TTCATATATA  TTTTTATTTC  TTTTCCATCT  AGATGCTCTG  TACTTTTCTT
        -2042  CAGTTGAAAT  TTCCACTCTC  CAACAAAACA  TCATTCAAGT  TTTGTATAAC
        -1992  ACTGTGACGT  TAACCAGTTA  AAATAAGAAA  ATCATGTAAT  ATAAATTATT
        -1942  TCAGTAGATA  TTTTAGAATT  ACAAATACGA  TAAATAATTA  AATTTAAAAA
  50    -1892  ATTATTAAAC  AATGAATTTT  TTTGGAAATT  AATATAAAAC  TTAGACTTGT
        -1842  GGTTTCTTCA  TTCAGTCAAA  ACCTTTTTCT  ATTGTGTGGC  GTGTGCGTGA
        -1792  ACATCGAATT  TGGGTGCTTT  ATGCCGCTTT  ATCTTCATCT  GCACCTTCAA
        -1742  ATTAATAATT  TAATTCCGGA  AAATAATAAA  CCCACACACT  GTTTTATGCA
        -1692  TATATTAAGA  TAAATAAAAG  AGAACTATTT  TAAAGAATAT  AAAATAATAA
  55    -1642  ATGTAACAAA  TGATGTCACT  AAAGAAGAAA  AAAATTAACA  AGAATTGTAA
        -1592  TATATTTCTT  TATGAAATGT  TTTGTGCATT  ACCGAGAGAG  GTCGAACATG
        -1542  ATACACGCAA  GCATCTAACT  AGTTTGGTAA  TTCCTTTTCA  ACATCGnTAA
        -1492  GCACATCACA  CTAAAATTAC  TTTAAATAGA  TAAATTAGAT  TCAATTGGAT
        -1442  GACATTAATT  TATAATACTC  TATCCAAAAT  TATAACTATA  AATAAAAAGT
```

```
-1392  TATTTTTAGA AAATAAGTAA TGAAAATTTA ATTCTAAAAT TTATAACACT
-1342  TTTATGCTGT GTTTGTTTCG AAGCATAGAA AAATAAAAAG TTATTGTTGG
-1292  GAATGAAAAG TGAAGAAAAT CATGTAATAA AAACAAAATG ACACGACAAT
-1242  CAAAAAAAAA GTTTTCATGC AAAACTTTTT TCAAAATTTA CACTTTTATG
-1192  ATGTGTTTGT TTCGAAGTGT AGAAAAACGA AAAGTTATTA TTGGTAATGA
-1142  AAAGCGAAGA AAATCACGTA ATAAAAACAA AGCAAGATGG CACGACAATC
-1092  AAAAAAAAGT TTCTACACAA AACTTTATTC AAAATTTACA ACACTTTTAT
-1042  GTTGTTGTTT GTTTCCGAGG TATAGAAAAA CAAAGAATTA GTGTTGGTAA
 -992  TGAAAAGTGA AGAAAACCAT GTAATGAAAA CAAAATGGCA CGACAATCAA
 -942  AAAAAGTTTT CACGCAAAAT TTTCTTCAAA ATTTATAACA TTTTCATGTT
 -892  GTGTTTGTTT CAAAGCCTAG AAAAACGAAG AGTTACTATT GGTAATGAAA
 -842  AGCGAAGAAA ACCACATAAT AAAAACAAAA TGGCACGACA ATCAAGAAAA
 -792  AGTTTTCACA CAAAACTTTT TTCAAAATTT ACTATGTTTA TTTCGAAATT
 -742  TAGAAAAACG AAGAGTTATT ATTAGTAATG AAAAGCGAAG AAAACTACGT
 -692  AATAAAAAAC AAAATGGCAC GACAATAAAA AAAGTTTTCA CGCAAAATTT
 -642  TCTTGGTGCG CAGAAAGTTA TATATATTAA TTAATTAATT TTCATTTACT
 -592  TTTTTCCCTT TTTATTTTAA AGTTAAATTA TTATTATTTT CATTTAAAAT
 -542  ATAAATATTA TTTAAATATA AAAAATATAA CCTTAATCAA AACAAAGCCT
 -492  TAATCTAAAA TTTACAACAC TTTTAACCTT AAAATTAACT TTAAAAGGAA
 -442  AATGATAGTG TGACAACTAA AAAAGTTGTA TACAACCCTG TCATAGGTTT
 -392  AGAAATAAAT ATATATAATA AAGAGTAAAT TTGTAATTAA ATGATATAAA
 -342  AAAGTATTAA AATAATAATA TTTAGAGTAG TAATATGGTT GTATAAAAAA
 -292  ATGTGGTTGT CCATATATCA TTATTCACTT TAAAATATCA TGACAAATAT
 -242  TTTCACCGAA AGATGGAAAG AACGAAAAGA GCGTTGGATA ATGGAAAAAT
 -192  ACAAGCAATC TCCCTCCAGT ACTTTGCATA ACATTTTGTA TTAGTGATGA
 -142  GTTTTTTATC ATATATATTT AGAATATAGG AAAATTTTAG AATCACGTGG
  -92  ATAGCTATAT AATAGTAATA TTTTAATTTA TAATGTAGTT GATTTTATTT
  -42  GTCAACTGGT ATACATAAAT ATGTGTTGAT AGTGGGTGAC TTGTGGCTTA
    9  AAGAAATGTC CAGAGGCTGA CAACAACTCT GCACAGACTA GCGTAAAC
```

SEQ ID NO:2 Scarlet Runner Bean G654 genomic region

```
-4242  GCATGCACTG CCACAAGTAG TGAACTCATG GTTTTACCTC CTCAAGTAGA
-4192  AAACCTTTTG AGTGAATTTG AAGATTTATT CTCCCAAGAA GGACCCATTG
-4142  GGCTTCCTCC TCTTAGGGGG ATAGAACATC AAATTGACTT TATACCGGGG
-4092  GCAAGCCTAC CAAATAGGCC TCCTTATAGA ACCAACCCCG AGGAAACAAA
-4042  GGAGATAGAA TCACAAGTTC AAGACTTGTT GGAGAAGGGT TGGGTTCAAA
-3992  AGAGCCTAAG CCCTTGTGCT GTACCTGTCT TGTTGGTGCC AAAAAAAGAT
-3942  GGAAAATGGC GTATGTGTTG TGATTGTAGA GCAATCAACA ACATCACCAT
-3892  CAAGTATAGG CATCCAATCC CAAGGCTTGA CGATATGCTT GATGAATTGC
-3842  ATGGGTCAAC TCTATTCTCC AAAATTGACC TTAAAAGTGG ATATCACCAA
-3792  ATTCGAATCA AGGAGGGTGA TGAGTGGAAA ACCGCTTTTA AGACCAAATT
-3742  TGGATTATAT GAGTGGTTGG TGATGCCCTT TGGTCTTACT AACGCTCCAA
-3692  GTACATTCAT GAGGCTTATG AATCACACCT TGAGGGATTG TATAGGTAAA
-3642  TATGTAGTAG TTTATTTTGA TGATATCTTA GTATATAGTA AAACCCTAGA
-3592  AGACCATCTA AGTCACCTTA GGGAAGTTCT TCTAGTTCTT AGGAAAAATA
-3542  GTCTTTTTGC CAATAGGGAT AAGTGTACCT TTTGTGTAGA TAGCGTAGTC
-3492  TTTTTAGGCT TTATAGTAAA CCAAAAGGGG GTGCATGTAG ATCCCGAGAA
-3442  AATCAAAGCC ATCCGCGAGT GGCCAACTCC ACAAAATGTA AGTGATGTGA
-3392  GAAGTTTTCA TGGGTTAGCT AGCTTCTATA GAAGGTTTGT TCCCAATTTT
-3342  TCTAGCCTAG CTTCTCCCTT GAATGAACTT GTAAAAAAAG ATGTTGCATT
-3292  TTGTTGGAAT GAAAAGCATG AGCAAGCCTT TCAAAGGCTA AAAGCTCACT
-3242  CACCAATGCA CCCATCCTAT CTCTTCCAAA TTTTTCCAAA CTTTTGGAGA
-3192  TAGAGTGTGA TGCATCGGGA GTAGGCATAG TGCGGTTTTG TTGCAAGGTG
-3142  GACACCCCTT GCTTATTTTA GTGAAAAACT CCATGGTGCC ACCCTCACTA
-3092  CCCCACCTAT GACAAAGACT CTATGCTCTT GTGCGACCCT AAAGACTTGG
-3042  GGAACACTAC CTTGnGTCCC AAAGAATTTG GnTATCCATA GTGATCACGA
-2992  GTCTTTAAAA TATTTAAAGG GCCAACACAA GCTCAATAAG AGACATGCTA
-2942  AATGGATGGA ATTTCTTGAA CAATTTCCTT ATGTCATCAA ATACAAGAAA
-2892  GGGAGCACCA ATATAGTGGC CGATGCTCTT TCTAGACGGC ACACTCTCTT
```

71

```
      -2842  TTCAAAACTA GGTGCCCAAA TTCTTGGATT TGACCACATA AGAGAGCTTT
      -2792  ATCAAGAAGA TCAAGAACTC TCATCCATCT ATGCCCAATG TCTACATAGA
      -2742  GCACAAGGAG GTTACTATGT GTCCGAGGGA TATCTTTTTA AAGAAGGAAA
      -2692  ACTTTGCATT CCCCAAGGAA CACATAGAAA ACTCCTTGTC AAAGAATCAC
   5  -2642  ATGAAGGGGG ACTCATGGGC CATTTTGGAG TTGATAAAAC TCTAGACTTT
      -2592  TAAAAGCAAA ATTTTGTTGG CCACACATGA GGAAAGATGT CCACGACATT
      -2542  GTCTAGAGTA TCTCATGTTT AAAAGCAAAG TCTAGAACAA TGCCGCTGGA
      -2492  CTCTACACCC CTTTGCCGAT TGCAAAGCTC CTTGTGAAGA CATTAGCATG
      -2442  GATTTCATTT TAGGACTTCC TAGGACTGCA AGAGGCCATG ACTCTATCTT
  10  -2392  TGTGGTAGTG GACCGTTTTA GCAAAATGTC TCACTTTATT CCATGCCACA
      -2342  AAGTAGATGA TGCTCAAAAT ATTTCTAAAC TCTTCTTTAG AGAAGTGGTG
      -2292  AGACTCCATG GTCTCCCTAG AAGTATAGTG TCCGATAGAG ATCACCTTAA
      -2242  ATATATAATT ATACACTTGT TTTTTTTCTC TTTTTTATTT TATCAAGTAA
      -2192  AAAGTATTTG TTCTAGATTA TTATGAGTAT ATACTTACTT TCTGTATTTC
  15  -2142  ATTTCTTTCT ATTTTTTATG ACGATGAAAT TTCTTATTAT ATCCAGACTT
      -2092  TTCATATATA TTTTTATTTC TTTTCCATCT AGATGCTCTG TACTTTTCTT
      -2042  CAGTTGAAAT TTCCACTCTC CAACAAAACA TCATTCAAGT TTTGTATAAC
      -1992  ACTGTGACGT TAACCAGTTA AAATAAGAAA ATCATGTAAT ATAAATTATT .
      -1942  TCAGTAGATA TTTTAGAATT ACAAATACGA TAAATAATTA AATTTAAAAA
  20  -1892  ATTATTAAAC AATGAATTTT TTTGGAAATT AATATAAAAC TTAGACTTGT
      -1842  GGTTTCTTCA TTCAGTCAAA ACCTTTTTCT ATTGTGTGGC GTGTGCGTGA
      -1792  ACATCGAATT TGGGTGCTTT ATGCCGCTTT ATCTTCATCT GCACCTTCAA
      -1742  ATTAATAATT TAATTCCGGA AAATAATAAA CCCACACACT GTTTTATGCA
      -1692  TATATTAAGA TAAATAAAAG AGAACTATTT TAAAGAATAT AAAATAATAA
  25  -1642  ATGTAACAAA TGATGTCACT AAAGAAGAAA AAAATTAACA AGAATTGTAA
      -1592  TATATTTCTT TATGAAATGT TTTGTGCATT ACCGAGAGAG GTCGAACATG
      -1542  ATACACGCAA GCATCTAACT AGTTTGGTAA TTCCTTTTCA ACATCGnTAA
      -1492  GCACATCACA CTAAAATTAC TTTAAATAGA TAAATTAGAT TCAATTGGAT
      -1442  GACATTAATT TATAATACTC TATCCAAAAT TATAACTATA AATAAAAAGT
  30  -1392  TATTTTTAGA AAATAAGTAA TGAAAATTTA ATTCTAAAAT TTATAACACT
      -1342  TTTATGCTGT GTTTGTTTCG AAGCATAGAA AAATAAAAAG TTATTGTTGG
      -1292  GAATGAAAAG TGAAGAAAAT CATGTAATAA AAACAAAATG ACACGACAAT
      -1242  CAAAAAAAAA GTTTTCATGC AAAACTTTTT TCAAAATTTA CACTTTTATG
      -1192  ATGTGTTTGT TTCGAAGTGT AGAAAAACGA AAAGTTATTA TTGGTAATGA
  35  -1142  AAAGCGAAGA AAATCACGTA ATAAAAACAA AGCAAGATGG CACGACAATC
      -1092  AAAAAAAAGT TTCTACACAA AACTTTATTC AAAATTTACA ACACTTTTAT
      -1042  GTTGTTGTTT GTTTCCGAGG TATAGAAAAA CAAAGAATTA GTGTTGGTAA
       -992  TGAAAAGTGA AGAAAACCAT GTAATGAAAA CAAAATGGCA CGACAATCAA
       -942  AAAAGTTTT CACGCAAAAT TTTCTTCAAA ATTTATAACA TTTTCATGTT
  40   -892  GTGTTTGTTT CAAAGCCTAG AAAAACGAAG AGTTACTATT GGTAATGAAA
       -842  AGCGAAGAAA ACCACATAAT AAAAACAAAA TGGCACGACA ATCAAGAAAA
       -792  AGTTTTCACA CAAAACTTTT TTCAAAATTT ACTATGTTTA TTTCGAAATT
       -742  TAGAAAAACG AAGAGTTATT ATTAGTAATG AAAAGCGAAG AAAACTACGT
       -692  AATAAAAAAC AAAATGGCAC GACAATAAAA AAAGTTTTCA CGCAAAATTT
  45   -642  TCTTGGTGCG CAGAAAGTTA TATATATTAA TTAATTAATT TTCATTTACT
       -592  TTTTTCCCTT TTTATTTTAA AGTTAAATTA TTATTATTTT CATTTAAAAT
       -542  ATAAATATTA TTTAAATATA AAAAATATAA CCTTAATCAA AACAAAGCCT
       -492  TAATCTAAAA TTTACAACAC TTTTAACCTT AAAATTAACT TTAAAAGGAA
       -442  AATGATAGTG TGACAACTAA AAAAGTTGTA TACAACCCTG TCATAGGTTT
  50   -392  AGAAATAAAT ATATATAATA AAGAGTAAAT TTGTAATTAA ATGATATAAA
       -342  AAAGTATTAA AATAATAATA TTTAGAGTAG TAATATGGTT GTATAAAAAA
       -292  ATGTGGTTGT CCATATATCA TTATTCACTT TAAAATATCA TGACAAATAT
       -242  TTTCACCGAA AGATGGAAAG AACGAAAGA GCGTTGGATA ATGGAAAAAT
       -192  ACAAGCAATC TCCCTCCAGT ACTTTGCATA ACATTTTGTA TTAGTGATGA
  55   -142  GTTTTTTATC ATATATATTT AGAATATAGG AAAATTTTAG AATCACGTGG
        -92  ATAGCTATAT AATAGTAATA TTTTAATTTA TAATGTAGTT GATTTTATTT
        -42  GTCAACTGGT ATACATAAAT ATGTGTTGAT AGTGGGTGAC TTGTGGCTTA
          9  AAGAAATGTC CAGAGGCTGA CAACAACTCT GCACAGACTA GCGTAAAC
         57  ATG AAG TCC AAT TTT GCT ATT TTC GTA GTC TTT TCT CTT CTT CTT
  60      1   M   K   S   N   F   A   I   F   V   V   F   S   L   L   L
        102  CTG GTACCTCTTCAATCTTCTACAAAAACTCTGTTGCTCTTTCACCTCTGTTTGTA
```

```
  16      L
 160      ATTTTGTTTACACTTTTGGAAAATTGAAGCTGATATATATGTAACAACCTTTCAGTTTT
 219      GTCTGCACTGAAACTGATAGAAAAATATACGTTTTGTGGATATATATAG GTT GGC
  17                                                         V   G
 274      AGT TGC AGC TGC GCA AGA AAA GAC ATG AGA GGG TAT TGG AAG GAT
  19       S   C   S   C   A   R   K   D   M   R   G   Y   W   K   D
 319      ATG ATG AAG GAG CAA CCT ATG CCA GAA GCA ATC AAA GAC CTT ATT
  34       M   M   K   E   Q   P   M   P   E   A   I   K   D   L   I
          GAG GAT TCA GAA GAA GTG TCA GAA GCA GGG AAG GGT CGT TTT GTT
  49       E   D   S   E   E   V   S   E   A   G   K   G   R   F   V
          AGG GAC TTC GAT GTA AAG CCT AAT GTC ATA TTA TAT CAC ACA CAT
  64       R   D   F   D   V   K   P   N   V   I   L   Y   H   T   H
          GTT GTG CCC ATG AAG CAG AGG CAG AAG AAT AAA GAT TGA
  79       V   V   P   M   K   Q   R   Q   K   N   K   D   •

 493      AGACTATGTGATTGGCAGTTTCAGACTTATTTGGCACCAAATTTATGATGCTCTTGTTGCTG
 555      TTTCAAAATTTGTACTCAAACTTTGAACCCTTTGCAGCATCTTGCTTCTTTTTGGTCTTGCT
 617      GAATTTTGTCACAGTTATACTGTCACGAATAGTTTCTCTTCATAATAAGCAACTTTTCCTCT
 679      C
```

SEQ ID NO:3 Scarlet Runner Bean G654 amino acid sequence

```
  57      ATG AAG TCC AAT TTT GCT ATT TTC GTA GTC TTT TCT CTT CTT CTT
   1       M   K   S   N   F   A   I   F   V   V   F   S   L   L   L
 102      CTG GTACCTCTTCAATCTTCTCTACAAAAACTCTGTTGCTCTTTCACCTCTGTTTGTA
  16       L
 160      ATTTTGTTTACACTTTTGGAAAATTGAAGCTGATATATATGTAACAACCTTTCAGTTTT
 219      GTCTGCACTGAAACTGATAGAAAAATATACGTTTTGTGGATATATATAG GTT GGC
  17                                                         V   G
 274      AGT TGC AGC TGC GCA AGA AAA GAC ATG AGA GGG TAT TGG AAG GAT
  19       S   C   S   C   A   R   K   D   M   R   G   Y   W   K   D
 319      ATG ATG AAG GAG CAA CCT ATG CCA GAA GCA ATC AAA GAC CTT ATT
  34       M   M   K   E   Q   P   M   P   E   A   I   K   D   L   I
          GAG GAT TCA GAA GAA GTG TCA GAA GCA GGG AAG GGT CGT TTT GTT
  49       E   D   S   E   E   V   S   E   A   G   K   G   R   F   V
          AGG GAC TTC GAT GTA AAG CCT AAT GTC ATA TTA TAT CAC ACA CAT
  64       R   D   F   D   V   K   P   N   V   I   L   Y   H   T   H
          GTT GTG CCC ATG AAG CAG AGG CAG AAG AAT AAA GAT TGA
  79       V   V   P   M   K   Q   R   Q   K   N   K   D   •
```

SEQ ID NO:4 Arabidopsis G654 genomic region

```
101001    CAAAACAAAAGCAAATGCCGGTTTTCTTATTATTATTTCGAACTTTAGAC
100151    CTTTTTGTAACGTTTCTTTAATTTTTTTCCTTGATAAAGAACCCTATTAT
100201    ATCTTAGCTAAATATTTACCTCATTTTGTTTATGAGCTAAACCACCCCAA
100251    AAATATTGTAGTTTTGCTTTCGGATTTAACTGCCAAGCAAGTGATTAGAT
100301    ATATTAAAGGAAAATGAATGAAAGGACAAAAAAATATAAACGACAATATT
100351    TGAATACTGATATTTATCTCCATTCTCAAATATTTTTGATTTATTGTGAC
100401    AATATTTGGTTGTTTCCCATTTGCTACATCTTTGAGGACATGAAATGATA
100451    ACATATATATGAACGAGTATAATACATTCTCGTTTCATTTTACAAATAAT
100501    GTCAATTTATGCTAACATTTTTTATTTAAAAATTATCCTTATAAGATTTC
100551    AGTGTATTATTTTACCATGGTACTGTAAAGTCGGATGCTATATATATATA
100601    TATATATATATATCAAAAATGACACTGAAGAATTTATTTGAACTAAAA
100651    CTAAAAACGTAAAATAAAAAGAATTTTTCAAAAATCAAAAATTTTATATA
100701    AAAATATAGATAAAATGTTAATATAGTACAACTTCTATTCAAACAGAGAG
100751    AATAAATCTTCTATAGACAGTGAATATCCATTATAATAACGAGCAATAGT
100801    TGTAATGTTGCAGTACAAAAAGAGAATTGTAATATTTGTGCATGATTGAG
100851    AAATCTAAGTTGACTTTGAATTAAAAGGCTAATTCCAACAAGTACATGTA
```

```
100901 GAAGTTGACTATAGCTATATATTTACTACAAATTGATCATTTCAAGAAAG
100951 ACATTTAAATTAAGATATGCATGCATGACTTGATTGAACCCCACTCGCTT
101001 GCTTCGTGCCATTCGACAAGATGTTACTTTTAAATGCAAGGTAAATTATG
101051 GATATACTCTTCTGTATTTTTTGTAGTAGATATTTTTACGAAAATTGTTT
101101 TTTTTCCAAAATCAAATGATATTTATTAATTTTCAATATAGAATTAATTA
101151 AATTTTAATTAATTTTGAAGATTTATATGCTGCAGATTAGATTACCATTG
101201 GTGAAATCATGTTTAGGTAAATAATAAATGATGTTGTAGTTTAGGAAAAA
101251 AAAAAATTCTTTAATCTTTATGTAAGAATGTTAAACTTCAATTATAAAAA
101301 TATGAAGCAGTATTATATAAGATGTTTAACTAATCGAATAATATTTTTTG
101351 GGATGAAATTTTCTTGCATATGTTTCTAAAAAAATAATATGTGAAAAATT
101401 AACATTCATTGTATGTTTATAAGAAATATATGTGAGTTTTGTTTAGATAA
101451 ATAATACTTAAAATTAAGAATTTGTAAAGTTATACTGCACTTCAAATATG
101501 TTATTTTTTCCTTTTATTTAAAATATCAGCAACATTCTAAATGATTTTAT
101551 TTTCTTTAAAAAATTGAAAAAATGAAATTAGCAAATATGTAAAATTTAAA
101601 ACGAATTTAAGAAAAAACTTTGTAAAGATATGATATGCTTTATAAAAAAA
101651 ACTTGGTGGCGTACCTACTAAATATGATCACATTAGAGATTTGTATCCTT
101701 TAGCATATAGTATGTAGTATAGATATCTATATTTTTATTTATTAAAGAGC
101751 ATATTCATAATATAGGTATTATATGTTAATTACAATAAACGTTCAATTCG
101801 TTATGTTAGTTTTTAGAAAACTTATTGCGTGTGCATATCAATGTGAGAAA
101851 GCGACTCCACATGTGAGATGTTGGTCTGAGAAAGCTTTCTGCACTTGGTC
101901 GGAACTACTTCATGGACTAGAATGCAATCCATCTATTCAAAGAAAAGCAG
101951 TTGTCCATGCATGCCTCGGTTTTTCACATTTGGAAGCAGCGCAACAATGT
102001 CTTACATAATATGCGATCGATCACTCTGCAACCAATATTCAAGTACATAG
102051 ACCATGACATCAAAAACATTATCACACCGAGAAGAAAGAAACGTCAATTT
102101 GGTAACTTAATGGCGTTATGCCTGCGGTGAATTCTCCTAAGAGTTCTCCC
102151 AAATTTTATTGATTCCTTGTTTTTAACTTTTTCGCCAAAGAATCATACAT
102201 ATAGATTTGACACCATTTCAACTTATCAAATACAAGTGAATAAATAATTT
102251 CAAGCTTGAAAGGAATTTAATCATGATCTAAACCTAAACGACAAATTCTT
102301 CACAAGTGAGAATCACTAATTGACTACCCCTTGGTCGCATATACATCATT
102351 GTTGTAAATCTGAAAATTGGTTTGGATTTGATCTGATATGTCATTCATAT
102401 AAAACTTGTATTATTTATTTTAGAATTTTGCCGCAAACAGATAAATCATC
102451 ATCTATTTAGAAAATTTTCATTTGCACCACAATTAATCAGGGGAAAAGGT
102501 GAAATCACATATCTTATCTACACTCTTTATTAATTAAACGCCATAATATA
102551 ACAAATTTTCAAATACCACTTATGAGAAGCACTAAGATCACCTTTTTCTT
102601 TATGACTTTCTTTCTAAAGCTAAGCTGGTAGTCATGACTCATGATTATCC
102651 TTTTCCTAATGGGAATATTGTGGAAGCGGTTTCAAATCTTTAGACAAAAT
102701 TCCATGGCCACTAAAAGTTAGCAAAGTTAAAATAAGTTTAAAAAAAATATG
102751 AGTGTACTTGGCCATATGCCATATTGTTGAGATCATAACAAGAGAAATAA
102801 TAGTTTATTGAAGTTTAGATCATAATCACAATACATCATTGCCTTCATCA
102851 ACATTTTCCATGGATTTGAGAGGATCAACTTCAATACTAATGGTGGGGTC
102901 TTATTCATCCATTGCTCTCTAGCCAATTAAGCAGTTAGGTTATTTGTGTA
102951 CTCTAGTAGTTGCCAAATCAATCTTAATATTCACAATGTTGTAATTTCTA
103001 ATTACGTATAGATAAATGACTAGATAACACGTGGCTTTGGTTTTATCAGG
103051 AAAGTTTTCCAAATCATATATATGAATGTAGAATAGTGTTCTTCATTAAT
103101 TATTAATTAGCATCTCACCATCTGAGACTGGGAGCATGTGACAAGTTGAC
103151 ATGTGTATTAAGAGAACTTTGAGAAAACCACTTTTATGATACTCCCATCT
103201 GAGACTGGGATGAGTACCATTTTATAAAAAATATGAGTAGTGAAAAAATAT
103251 TCAAAAAAAATTCTAACATGTCCTTTAAAACATTTTAACCTTATAATTTT
103301 AACAAACATCTTCCAATATGCGTTATGAAAACTTTATAAAACTTTTTTAT
103351 AACATGCTTTTGAAAATTTTATAAATCTGTATTTTTAGAAACAAAGTGAT
103401 ACTTTTGAAAATAGACAAATGAAGTGCTATTTTTTAAAATTGATATCATA
103451 AGTCTTAACTGTGGTTTGTTTGAATTTTATTTATATACTTGTCAAAATAA
103501 AACTAAATAAATAAATTAAATTATTTTATAATCATGAAGATAATATTATC
103551 ATAAAAGATAAATATAAAATCAACAAATTTATATTTGTTAATAAAAATAC
103601 TTTGAGCTCTTCTTCATAAGACTTTTCCAGCTTCCATCTAGAAAATCACA
103651 TAAATTAAAAGATAAATAACCGAATAAACATAGTTCACATTCTAACTCTT
103701 AGTCTTAGATTTGTTTTAATTTTCAAAGGTTTAGGTATTGTATATGTTTT
103751 TTTTATTGGGTTGCTAGATTTTGATCCAAGAAGAAATGACGGGTTGTAGT
103801 ATAGATGGTTTGTTTGAGTTTTTTCCCCTTGGTTTACTTCGTTTGGTTTT
103851 TGTCCCCAGAATTGTTCTTGTACTCGCTGGTTTATGTCTCTACAAAGTCC
103901 ACGACCATTGCCGGCTCTTTGTATTTCAACTTGAATTCTAAATTCGATTG
```

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

74

```
103951 ATGAAAAAAAAATGTATCTCTTAAAGTCCATTAGTACCAAAAATAACTAT
104001 ATCATTACTACATAAAATAGTCTTGGGTTTTCCAAAGTATTTCGTTGATA
104051 TATGTTAAGAGTTCGAAATAGACACATAGATATAATGTTGAAATGGGACC
104101 TCTCACATAATTATCTCCTTTTCTCTTCATTTCTCTACCTCTCAAGTTTC
104151 CAATCCCACCCTAAGGTAATTTATTTCTTAACCTAAGTAAATTTGTTAAC
104201 AAATCTTAACTAGCTACAAATGTGTATTACAAGTCTTAAATAAAAACCTA
104251 CTTTAATTCAAAGGTATTAAACCTTCCTAAATTGATACTTACTTAGTATC
104301 GATCGGTCTAGTTTAGGGTTTGGACAACACACCATCATGGGGACGAAATT
104351 AGTCATTCTACGGTGTCCAAGACACAAATCTCGGACTCGATGTGGATATG
104401 ACACTTCATTATAACTTTTAACTTCATAAAAACTAACTATTAGGAGGAAG
104451 AATCGGAATCTGCATATCAATCACAATAGACTATAGTATACTTAGATTTT
104501 GATCTAATCAATGGGCTCCTTCAACTAATAAGTAGCCCACTACCAATAAT
104551 GAAATCATAAGACATTATTAAATTAATCAATGTTCTAAAAATACTTTGGT
104601 TATGTGTCCCGTAGAGCTAATGTGCACACACAATGAAAGTTGACCCGTTT
104651 CACTTGTCCCACTTTTATGATCTTTTCTTTTAGGTTAAATCCAACTTTTA
104701 TAATCTCATCTTGTTATCAAACAAAACTTTTGGCCTGTCTTTTTCATAAT
104751 TTAAAGTAACTCTCACGGAGAAAAGCCAACATTTTCTTCTTGTTTTATTC
104801 TTTTTAAGAAAAATGAATTCAAGGGGACCCCAAATTTAAAAGGAAAACCA
104851 AAACTCCTTTCTATGTATTTATTACTTGAAGTTTTCTATGTAATCAACAA
104901 TCCTAACAGTAGAGAATAAAAAAACATCGTTTTGGGAGGTTTTATATTAGC
104951 ATATGAGAATAGTTCTAAAATTGTTTTACACAAAAATTAGATTTTCTTTT
105001 CCTCTGTCAATGGAGCTATATCACTTGTCATTTTGCTTAACCCTTTGCGG
105051 GAAGATTGTTATGAAACAGTTTTAATGGAATTCTAGTTGCCAATGTCACG
105101 TTTAATATGTTTTGTCCCTATACTTTATTGAATCTTATAATCTTTGTTAT
105151 AGAATTATCTACTTTTAGTATTTTACATTAACATAATCTATAGAATTCTT
105201 CTTTGTTCTATACAATTAAACAAGTAATATATTCTTAATACATATTAAAA
105251 ATGGTGGTGTTGCTATCTGAGCTGTAATAGTTGATTGCTCCAGAGAAGAA
105301 TAGACAAAAATCCTTACTTAAGAGGCCCACCACTCTGAAAATTTAGACAA
105351 GAAAAATTAAACAAAATTAGGTTACACATATTATCATTTATATATATGCA
105401 CAACACAAAGTTGACCTTGCAATGTACTATTGAATAAAATAAATAAATGC
105451 AAGAAGAGAGGGAATTATCACTGTTACCAAGAAAACAACTTCCTCTAAAC
105501 AGGTCTCTATATATATAAACTTTAACACCTAAAGAATTAACACAGATCAA
105551 GAAAAAATCCTCAAAACAAAAGTTAAAGCAGAC ATG AAG CAA CAG CAA
    1                                    M   K   Q   Q   Q

105599 CGT TAC TTG GTC GTC TTC ATC GTC CTT TTA AGC TTT CTT
    6    R   Y   L   V   V   F   I   V   L   L   S   F   L

105638 CTG GTAAAGCTTCTTCCTTAATTATATTAAAACCCTAATTAAGATCTCATATA
   19    L

105691 TCTGAATGTTGTATATATTTGTTGGTATAG TTT GTG AAT CTG AGT
   20                                F   V   N   L   S

105736 GAA GGA AGA ACA GGA GGA GTT GCA GAA GAA TAT TGG AAG
   25    E   G   R   T   G   G   V   A   E   E   Y   W   K

105775 AAG ATG ATG AAG AAT GAA CCG TTG CCT GAA CCA ATC AAA
   38    K   M   M   K   N   E   P   L   P   E   P   I   K

105814 GAG CTT CTC AAC AAT CCT TTT AGG ACC GCA CAA GAG AGA
   51    E   L   L   N   N   P   F   R   T   A   Q   E   R

105853 TTC ATC CAG AAT TTC GAC ACC AAA TCT GTT GTC ATC ATC
   64    F   I   Q   N   F   D   T   K   S   V   V   I   I

105892 TAC CAC AAT CCT AAT GAA TAA TCAATGAAGTCTCTCATATAG
   77    Y   H   N   P   N   E   •

105934 ATATCTATGACTTTAATTTGTGTTTATGTATGGATCGACTTATACGTGCA
105984 CGTATATGTTATTAATTAAGAAAAGAAAAAGCTGCTTGAGTTGTTGTGTT
106034 ATACACGTATACTAAATATGTTCTGTTTAGTGCAGAAATGTTAACCCTAG
106094 CTATAAGGGATTTTTGTTCTTTTTTTTTTGTTACCATTAATGTGAGTGA
106144 GTGAGTTTTGTGTGATGAAAATTAGATTTGCTTCACATTTTGTTTTGATA
106194 TATATAAATCAATATACTGTGCCTTTCGTGTCTTGTTTCTTATATTATTT
106244 TGTGACATTAATTAATTATCTTATCAAAAATTTATTTTATTAACTGTGTC
106294 CTATGGAAAAAGATGAACAATATGAGTTAACCTCATCTCAAGGAGATTCT
106344 TTTTTGTTTTGTTTTTC
```

SEQ ID NO:5 Arabidopsis G654 amino acid sequence

```
        M    K    Q    Q    Q
        105599 CGT TAC TTG GTC GTC TTC ATC GTC CTT TTA AGC TTT CTT
            6    R    Y    L    V    V    F    I    V    L    L    S    F    L
  5     105638 CTG GTAAAGCTTCTTCCTTAATTATATTAAAACCCTAATTAAGATCTCATATA
           19    L
        105691 TCTGAATGTTGTATATATTTGTTGGTATAG TTT GTG AAT CTG AGT
           20                                    F    V    N    L    S
        105736 GAA GGA AGA ACA GGA GGA GTT GCA GAA GAA TAT TGG AAG
 10        25    E    G    R    T    G    G    V    A    E    E    Y    W    K
        105775 AAG ATG ATG AAG AAT GAA CCG TTG CCT GAA CCA ATC AAA
           38    K    M    M    K    N    E    P    L    P    E    P    I    K
        105814 GAG CTT CTC AAC AAT CCT TTT AGG ACC GCA CAA GAG AGA
           51    E    L    L    N    N    P    F    R    T    A    Q    E    R
 15     105853 TTC ATC CAG AAT TTC GAC ACC AAA TCT GTT GTC ATC ATC
           64    F    I    Q    N    F    D    T    K    S    V    V    I    I
        105892 TAC CAC AAT CCT AAT GAA TAA TCAATGAAGTCTCTCATATAG
           77    Y    H    N    P    N    E    •
```

SEQ ID NO:6 Scarlet Runner Bean C541 genomic region

```
   1 AAGCTTTACAAATGTCCCCCAAAGATGAAACCACGTTATTATTAGTAAATCCTGAAAAGG
  61 TTAACGCTTCTGTTCCTCGAATTCTAAACCATCTGAAATATCTAGTGGTTTAAAATGGAG
 121 ACTTGAGGATATAGTCTCCTGAACCAGCTGTCACGGCTGAGTTAGATAACATTACTGAAT
 181 TTCTACGGGAGCGGTTGAAATCACTTTCGCCCCTTTAAGAAGAAGCCTACACCGGGCACC
 241 TTCTTTACGCAATTCGAAATTTAGTCTTGCCAGGCAGTCGTTGGATCGAAGGTCTTTTTC
 301 GATACCGAGGAATCTGACTTTGCAAGGAATAATTCCTAATCACACCACCCCAACCCCTGA
 361 ATACACTTCAGGACCCTCTGAAACCAACTTCGTTTCGGCTAAATCACAAGAATCTCCCAC
 421 TCATTCCGATTTTAGCCAATTAAATATGATATCGGTCTGGGAAGCCGATAAGGAAATTCT
 481 ACAAAAGAGTTTATGAATGAGGAAAATAAGGAAAAGAGAGAACTATTTTTTAGGTACCC
 541 TGAAAGAGAACGAGAAAAATTTAGAAAAAAAATACTACTCTCATCTGTACACTGTTCAAAA
 601 GAATATCCnnnnnAATGGTTAGATAATATAAGAAAAGGATAAGTATGATTAAACTGAAAC
 661 CACGTCGGCAGAAACAAAGTGAATTCCCCCCTTTAGAGGAAGTTCGTTTCTTAAATATAG
 721 AAAACAAAGAAGTAGTCGCCTCCCCTTTTAAAATGATCTCAGAAAAACGAGAAGTAAGTA
 781 TAAAAGATATTCAAAATCTACACAGTCAACTAAATTTTACTAATCAAATGCTTTTTCAAT
 841 TAGCAAATAAAAAACAAAAGAAAAAAGmGAAAATTGAAGAAAAATCGTTAATAAAACCAT
 901 TTAAATTCTCAGAAGAAGAGATAAAACAGTTAAAAATTGGTCAAACTTTGGATTCTTTAT
 961 ACGATGAAGTAAAACAAAAGTTATCTATCTCGGTAATAAAAGAAAAACCGAAATCTAATA
1021 ATGATATGCCCAAAAGGACAAATCCAAATCAAGAAGTTTTAGACGAAATCGAAAGAGAT
1081 TAAAACAAACTCTGAACGACACAATAAATGTGATAGAAGAAACTAAAAACTCAGACTCAT
1141 GTTCAGAGTCTCCCGATCGTATTGAAAAAATAAAACGTAATAAATCAGAGATTTCCAGTA
1201 AGCCGAAATTTTTACACTCGCCCCACCTTCGATATCATCGAGATGGCGATGGACACCTCA
1261 GCATTGATGGAATGGATACTGAGTGATATGATGGATGACAGATGATGAATATAGAAAAAC
1321 TCACGAAATAACAATGGCCGCTACAGCATATAGAGTAAAACATACCGAGGAACAAACAAT
1381 AAAATTAATTATATCTGGATTCACGGGAGTATTAAAAGGCTGGTGGGATAATTACCTCAT
1441 GCCAGAACAAAGAATTATGTTCTAAGCTGTGTAAAAATAGAAAACGAAGAAGGAATACC
1501 ACTAATGGTGGAAACATTGGTGGTAGCAATAATTCATAACTTTATAGGAGATCCAAAGAT
1561 TTTTGAAGAAAGAACATCTTTATTACTTCATAATCTAAGATGTCCAACCTTAGGTGACTT
1621 TAGATGGTATTCAGAAAATTTTTTAGCTATGGTTTTAACAAGGGAAGATTGTAGAGAACC
1681 TTTCTGGAAAGAACGGTTTATAGCTGGATTACCGGATATCTTTGCTGAAAAGGTAAAAGA
1741 AAATTTACAAAAGGAATGCCCAAACACCCAATTAAAAGATGTACCATACGGGAAAATAAG
1801 TTCAGTTGTAAAAAAATACAGGTCTTCAGTTATGCAATAATATGAAAATAGAAAATAAGAT
1861 AAAAAAGAGTGAGAGTCAGGGCATCAAGGAATTAGGGGAATTTTGTACTCAATACGGTTA
1921 TGAACGAAATACCCCTCCATCAAAAAAATAAAAAGAAAATAGCAAAAAGAAGAACAgGGAG
1981 AAACAAGCGCTAAAACAAGCGCTAAACCAGCACGTAAAAATTTTAGAAAAACGGTTAATT
2041 TTAGAAAACCATGAAAGTCTAATGATAAGCCCACTATAGTCTGTTATAAATGTGGACGCA
2101 TAGGACACATGAAGCGAGACTGTAGACTAAAAGAAAAAATTAGTAATTTGACCATAAGTG
2161 ATGAATTAAAAGAACAAATGGAAAAACTTCTGATAAATTCCTCCAGAAGAGGAAGAAACA
2221 GAAGAATCAATAGGAGATTCTGATTACGAAGTATTGGACATGAGGATAACAATTGTAATT
2281 GTGTCTATAAAATAAATACGATAAGTAGTGAATTAAAATTTGCGTTAGATTGCATTGATA
```

```
2341 AAATTAATAATCCGGAGGAAAAGACCAAAGCCTTAATAGACATGAAAAGGCTACTCGTTG
2401 AAAAAGATGAACCCAGTTCATCTTCACAAAAACCTGAATTTATAGGATATGATTTTAAAG
2461 AAATATTGAGAAAAGCGAAAACATCACATAAAGAAATAACCATTAGCGATCTTAATAGTG
2521 AAATAAATAAATTAAAAGCCGAAATCGAATCTATAAAAGTCGAGCTACAAGAATTAAAAG
2581 ATAAAATTATACATGAGGAATCCATCTCCTCTGCCGACGAAAATTCACAAGAAGAGGAAG
2641 CTAGTAGACCTTCCATCAAAGAAATAACATACAAAAGACAAAAGTGGCATGTAAAAATAG
2701 CCCTAGAATTTGTTTGTTTTGTGACCGTTTCATTGTGGTCAAAGATGAGTCCTTACCTAA
2761 CACAATAAAAAACGTTACTCTTAAATATCAAAGGAGAGCTACAAATATCAATGAATGAAT
2821 GACATTAATATTTTTCTTTAGTTTTAAAACTTGAATGAGTTGTTTTCATAAATATCTGAC
2881 TGACTGACATTTTTATTTTTTCTGAAAATGAGGAAGGTTTATTACGTTAACACCATATAT
2941 ATATTTTTATCTCAAAGTCAACGAAATATTATAAAAGAATCAATTAAAAAAAATTATTCT
3001 TTTGCAGAAAAAAAAATTAAAAATATGAAACTCCTCCACACCATATTACCATATTATAAA
3061 TATAAAAAAACCTCTCACAAATGTGCATTCTGGAATTCTTTATGTTGAGAGATTAATCTC
3121 TAAAGAAAAAAGGTTGAGAAAGGTGCAGCAACA ATG TCT CCA TTC TGT AGA
   1                                   M   S   P   F   C   R
3172 AAC TTT TCA ATG GCA TGG GTG CTT ATG GCA TTT GTG TTG TTT
   7 N   F   S   M   A   W   V   L   M   A   F   V   L   F
3214 GCA AAC AGT GCT ATG CCC ACA AAT GGA TCC ACT GTT GGG GTA
  21 A   N   S   A   M   P   T   N   G   S   T   V   G   V
3256 AAA AAC ATG TTG GGT GGT AAA TTG ATG CTA AAC GTT TTA TGT
  35 K   N   M   L   G   G   K   L   M   L   N   V   L   C
3298 CCC CAT ATT GAT AAG CAA CAC ATT ATC CCG AAT GGT GGT TCA
  49 P   H   I   D   K   Q   H   I   I   P   N   G   G   S
3340 TTT GAG TGG AAG TAC AAT GGT GGT GCT CCA CCA ATA GGA CAA
  63 F   E   W   K   Y   N   G   G   A   P   P   I   G   Q
3382 TCA CCA TTC ATG TGT TTC TTT CGG TGG AAT AAT GTT CAT CAC
  77 S   P   F   M   C   F   F   R   W   N   N   V   H   H
3424 TCC CTT GAT CTG TGT TCA CCA AGC AAG TAT ACT GGT TGT GAA
  91 S   L   D   L   C   S   P   S   K   Y   T   G   C   E
3466 AAT GCC ATT TGG GAA ATC AAA GAA AAG CAA TTT TGT AGG TAC
 105 N   A   I   W   E   I   K   E   K   Q   F   C   R   Y
3508 AGA GGT GGA CCT ATT AAT TAT TTT TGC TAT GAC TGG GAT GAT
 119 R   G   G   P   I   N   Y   F   C   Y   D   W   D   D
3550 TAG TTATATAGATTATTCATGTTTCATCTCAATAAAAAAATGACTTTAGAGTGATTCTT
     •
3609 AGTTTGCTTAACATTCTTACATATTCCTAACTATTCCGTCACTACCACCCGTAACTATAT
3669 TTATTTAAAATTAGTATCTGTCACAGTTTTATTTTTAAAAAAGGTTATGTGGATTAGAAG
3729 AGAGATAAATATGTAGACGGTCACCAACCTTAATTTTTGAACTATGTAAGACTATATTGA
3789 CCAAGAATATATGTTTAAACTCATTCATTTAAAGACTATATCTCCATTTATGATTATGCA
3849 AATGCAATTAGTTTTTTTTTTTCATTGAAGAATTCAAAAGAAAGTTATCATTAAAAAGTAT
3909 CATTAAATCACTTATATGTTGTTTCTTAATATCCTTATTGTTAATAGAATAATTTTTTTT
3969 ATCCTTTAATTAAGGTTATTACTACTTTTTTTTCATATCTTCATTATTTTGAAATATTTT
4029 TAAAATTTATCAATTTTTGTAACACCCCAGAAAATACATGTAACTATCACTTTTTTTTTA
4089 TATTACAAATTTATGACTTATAGAAATACAAATATTAAAAATATAAGGTTCAAAACTACA
4149 TCCTAAAGTCTTTCAGACCCTCTGACACATGTATCATCTGCTCGTATATGTGATACAGTC
4209 ATCGCAGTTCACAAGATAACAAGAAAACCAAGGGTAAGCTAATGAAAAAAAATTCCATAA
4269 CATATTTAATTCATGCAAAAGAACCAGTCAAAGTAATCATTTATAAACATTTCTTTAAA
4329 TATTGTTATATAAAATTTCAATATCAATTTCATCATTCATATAGACCACACATGGATCTA
4389 TTTTCAATCACAATCATTGGATTTCATTTTAATCCTACTTCGnCTTCCAGAAGACTCATT
4449 AAGTATGCCCCTACCAGAGACTAACACCTAATCAAAGAGAAATGATCAAGGTAAGTTCAA
4509 ACATCCAATAACGAGTGCCTACAGTGGGACCCAATGTGTATGAACTCCTTATCAGCTTCT
4569 CACCACCTGATATCTTATTCTATATGACGTAGATCATCAGTGAAACTAGAGGATCTCCGT
4629 TAAACATATGTTTTTTATACTTAATGTCATCAAACAACAACTCACACATTATCCCAAATG
4689 TATGACATCAATTTCATACAATTTTCATCATTCATATATAATACATATCATTGAATCACA
4749 TAACATTTAAAAAATTCATACCATTCAAGAACTTTTCCAACATCAAAAGCAATATTTACTT─ ── ── ──
4809 TCAAACTATCAAAATATAATTATTATTTAATAAAGCTt
```

SEQ ID NO:7 Scarlet Runner Bean C541 amino acid sequence

```
                                        ATG TCT CCA TTC TGT AGA
        1                                M   S   P   F   C   R
     3172 AAC TTT TCA ATG GCA TGG GTG CTT ATG GCA TTT GTG TTG TTT
       7   N   F   S   M   A   W   V   L   M   A   F   V   L   F
     3214 GCA AAC AGT GCT ATG CCC ACA AAT GGA TCC ACT GTT GGG GTA
      21   A   N   S   A   M   P   T   N   G   S   T   V   G   V
     3256 AAA AAC ATG TTG GGT GGT AAA TTG ATG CTA AAC GTT TTA TGT
      35   K   N   M   L   G   G   K   L   M   L   N   V   L   C
     3298 CCC CAT ATT GAT AAG CAA CAC ATT ATC CCG AAT GGT GGT TCA
      49   P   H   I   D   K   Q   H   I   I   P   N   G   G   S
     3340 TTT GAG TGG AAG TAC AAT GGT GGT GCT CCA CCA ATA GGA CAA
      63   F   E   W   K   Y   N   G   G   A   P   P   I   G   Q
     3382 TCA CCA TTC ATG TGT TTC TTT CGG TGG AAT AAT GTT CAT CAC
      77   S   P   F   M   C   F   F   R   W   N   N   V   H   H
     3424 TCC CTT GAT CTG TGT TCA CCA AGC AAG TAT ACT GGT TGT GAA
      91   S   L   D   L   C   S   P   S   K   Y   T   G   C   E
     3466 AAT GCC ATT TGG GAA ATC AAA GAA AAG CAA TTT TGT AGG TAC
     105   N   A   I   W   E   I   K   E   K   Q   F   C   R   Y
     3508 AGA GGT GGA CCT ATT AAT TAT TTT TGC TAT GAC TGG GAT GAT
     119   R   G   G   P   I   N   Y   F   C   Y   D   W   D   D
     3550 TAG
          •
```

SEQ ID NO:8 Arabidopsis C541 genomic region

```
142000   TTATCTTATTTCCATATAATTGTTGTTTTACTTTCAAAATTTTTAATTTT
141950   TTATATTTATCTTTTTACAGTTTAAAATTAATAAAATGAAACTTTTTTTC
141900   TTAAATGTGTTAAAATATAAAATCAAAAAAGTTGTTATATGGTACATGGC
141850   ACAATCTTATAAATTATTAATTTGAAAACGATACTTTATATAATAAAATT
141800   ATCTTAGTTGACATTTTTATTAGTGTTTTCAATCATATTTTTGTTTGCTT
141750   GATAAGCGTAAAACAAATCAAACTTAACGATACTTTATATAATAAAATTA
141700   TCTTAGTTGACATTTTTATTAGTGTCTTCAATCATATCTTTGTTTGCTTG
141650   ATAAGCGTAAAACAAATCAAGTAAAGTTGGGCACCTCAATTGTTTTAAAA
141600   AAGTTTGGGTACCTCAAAAATTAATAGGTCTTGTCAGATTCTTACAAAAA
141550   AAATCTGGAAGAATTTATGAAAGAAGGGGGGGGAGGGGGGGAGGGGGGGG
141500   AAGTGAAGATGAATATTCAACAAAAGAGGGTAGGCATGATGTTAAGTGAG
141450   TTAAAAAACTATGTTAATGGAGACAATTTTCTGTTAACAAACCCGTTAAT
141400   TGAAAACGATAGCATTCTTCTCTAACAATGTAAAACGATATTGTTTTATC
141350   ATAACTACTCATTAAATTTCTGAGTTTCAAATCATATAAAGATTTAGGGG
141300   GGTGTATTCAATTAAGGATTTGAAATGATTTGTATTAAAATGACAAATCC
141250   CATGTTATTTCAAACATGAATTGTAAAAACTTTTTTAAAATCAAGTGTTA
141200   TTAGATTAGTGATTTTAAAATGTACAACCAAACCCACTGTTATTGGAAAC
141150   ATTTTAAGTAGTGGATTTAAAATGACTTGAGTGATTTTGGGTGGGATTGC
141100   AGAAAATTTCTTAGTTAAGAATTCAAACATCCAAATCTCATGGTTTCAAG
141050   TAGAATTTGGGAGAATTTTAATAACAAATCTCCTAATTTACCAAAAGTCA
141000   CCAAAATCATTTAAAAACTCATTAAAATTTAAATGATTTCAAATCTCCAG
140950   TTGAATACATCCCCTTGGAATTAGAGATTTTGCTCGATTTGGGACCTAAG
140900   ATTGAATTTTGGGGATTTAGTTTAATCGTTACAACAAAATGACATCGTAT
140850   TATTGTTATAGGAAACAATGTCGTTTTCAGTTGACATGTATGTTAATAGA
140800   AAATTAACTCTATTAACGGGATTTGCTAACCCATTTAACATCGTAACTAA
140750   ATGGTCAAGTCAATAAAAGTTTGGTATTTATTTGAAAAGTCAACGTAAGT
140700   TTGATATTTATTTGAAAAGTCAACATAAATTTGATATCTTATTTCGTTTC
140650   GACAGACATAAGGATTTACATCAATGTTTTTAATAAATTAAAGATTATTA
140600   TGACATTTTTTCCATTTAAAAATTGCCAATGTTTTCGAAACCAAGATACTC
140550   AAAATTGACATACCTAATTCAATCTACATTTGTTTGACAGCAATTCACGT
140500   GCCTTGACCACATGGCACATACTGGCAATACATCAATTTTAAGGAAAAGG
140450   TAGATTCGGATACAATATAATGGAAATAAGTGGAAAGGATCATTGACTAC
140400   TTGACTTGTAACAAACAACACACAGTATATAACTCATTCGACATTTACAA
```

78

```
140350   ACAACATTGTGCTAGCTTAAACTCCCTCTCCTATTCAAAAAA ATG
      1                                                  M
140305   GAT ATT CCA AAG CAA TAT CTA TCA CTA TTC ATA TTG
      2    D   I   P   K   Q   Y   L   S   L   F   I   L
140269   ATT ATC TTC ATA ACT ACA AAA TTA TCA CAA GCC GAC
     14    I   I   F   I   T   T   K   L   S   Q   A   D
140233   CAT AAA AAC GAC ATT CCA GTT CCC AAC GAT CCA TCA
     26    H   K   N   D   I   P   V   P   N   D   P   S
140197   TCA ACA AAT TCT GTG TTT CCT ACC TCG AAA AGA ACC
     38    S   T   N   S   V   F   P   T   S   K   R   T
140161   GTG GAA ATC AAT AAT GAT CTC GGT AAT CAG CTA ACG
     50    V   E   I   N   N   D   L   G   N   Q   L   T
140125   TTA CTG TAT CAT TGT AAA TCA AAA GAC GAT GAT TTA
     62    L   L   Y   H   C   K   S   K   D   D   D   L
140089   GGT AAC CGG ACT CTG CAA CCA GGT GAG TCG TGG TCT
     74    G   N   R   T   L   Q   P   G   E   S   W   S
140053   TTT AGT TTC GGG CGT CAA TTC TTT GGA AGG ACG TTG
     86    F   S   F   G   R   Q   F   F   G   R   T   L
140017   TAT TTT TGT AGT TTT AGT TGG CCA AAT GAA TCG CAT
     98    Y   F   C   S   F   S   W   P   N   E   S   H
139981   TCG TTC GAT ATA TAT AAA GAC CAT CGA GAT AGC GGC
    110    S   F   D   I   Y   K   D   H   R   D   S   G
139945   GGT GAT AAC AAG TGC GAG AGC GAC AGG TGT GTG TGG
    122    G   D   N   K   C   E   S   D   R   C   V   W
139909   AAG ATA AGA AGA AAC GGA CCT TGT AGG TTT AAC GAT
    134    K   I   R   R   N   G   P   C   R   F   N   D
139873   GAA ACG AAG CAG TTT GAT CTT TGT TAT CCT TGG AAT
    146    E   T   K   Q   F   D   L   C   Y   P   W   N
139837   AAA TCT TTG TAT TGA CAACAATATGCTGATGTTCTGTCTTTTAC
    158    K   S   L   Y   •
139793   GACTCATGGAGTTTCATTGTTTGAAACAATAATATAAAACATATAAATT
139743   TCTATTATTCCAAGTTCCAACTTATAATAATTTGATAATCATATCATATT
139693   ATCATCTTAAGCATTCAATGCTACAAAGATAATACCCCCAAGCTATTTTA
139643   CATTAAAAGCTGAAACAGAGACACAATACTAACGATAAAAGTTCGTAGTA
139593   TCTTTATGCAACCATACATACATATACACAAAGATAGACAGGTAGTGTCC
139543   TAATAATTCTACTTGGGTGAGGTATGAACAGCAGCAACAGTAGATACCAT
139493   TGTATCCATACCACACATATTATGAGGCCCTCTGCAGATTTTGTAGTAAC
139443   CATGCTCTCCCCACATCGCTCCCCACGAGTTCTTGATAATCCAA
```

SEQ ID NO:9 Arabidopsis C541 amino acid sequence

```
1                                                  M
140305   GAT ATT CCA AAG CAA TAT CTA TCA CTA TTC ATA TTG
      2    D   I   P   K   Q   Y   L   S   L   F   I   L
140269   ATT ATC TTC ATA ACT ACA AAA TTA TCA CAA GCC GAC
     14    I   I   F   I   T   T   K   L   S   Q   A   D
140233   CAT AAA AAC GAC ATT CCA GTT CCC AAC GAT CCA TCA
     26    H   K   N   D   I   P   V   P   N   D   P   S
140197   TCA ACA AAT TCT GTG TTT CCT ACC TCG AAA AGA ACC
     38    S   T   N   S   V   F   P   T   S   K   R   T
140161   GTG GAA ATC AAT AAT GAT CTC GGT AAT CAG CTA ACG
     50    V   E   I   N   N   D   L   G   N   Q   L   T
140125   TTA CTG TAT CAT TGT AAA TCA AAA GAC GAT GAT TTA
     62    L   L   Y   H   C   K   S   K   D   D   D   L
140089   GGT AAC CGG ACT CTG CAA CCA GGT GAG TCG TGG TCT
     74    G   N   R   T   L   Q   P   G   E   S   W   S
140053   TTT AGT TTC GGG CGT CAA TTC TTT GGA AGG ACG TTG
     86    F   S   F   G   R   Q   F   F   G   R   T   L
```

```
140017  TAT TTT TGT AGT TTT AGT TGG CCA AAT GAA TCG CAT
    98   Y   F   C   S   F   S   W   P   N   E   S   H
139981  TCG TTC GAT ATA TAT AAA GAC CAT CGA GAT AGC GGC
   110   S   F   D   I   Y   K   D   H   R   D   S   G
139945  GGT GAT AAC AAG TGC GAG AGC GAC AGG TGT GTG TGG
   122   G   D   N   K   C   E   S   D   R   C   V   W
139909  AAG ATA AGA AGA AAC GGA CCT TGT AGG TTT AAC GAT
   134   K   I   R   R   N   G   P   C   R   F   N   D
139873  GAA ACG AAG CAG TTT GAT CTT TGT TAT CCT TGG AAT
   146   E   T   K   Q   F   D   L   C   Y   P   W   N
139837  AAA TCT TTG TAT TGA CAACAATATGCTGATGTTCTGTCTTTTAC
   158   K   S   L   Y   •
```

SEQ ID NO:10 promoter control element

GAAAAGCGAA

SEQ ID NO:11 promoter control element

GAAAAGCCAA